



#12

THE UNITED STATES PATENT AND TRADEMARK OFFICE

In re PATENT APPLICATION of
Inventor(s): Bathe et al.

Appln. No.: 09 | 824,551
Series ↑ | ↑ Serial No.
Code

Group Art Unit: To Be Assigned

Filed: April 4, 2001

Examiner: To Be Assigned

Title: Novel Nucleotide Sequences Encoding the luxS Gene

Atty. Dkt. P 280106 | 000457 BT
M# | Client Ref

Date: November 23, 2001

**SUBMISSION OF PRIORITY
DOCUMENT IN ACCORDANCE
WITH THE REQUIREMENTS OF RULE 55**

Hon. Asst Commissioner of Patents
Washington, D.C. 20231

Sir:

Please accept the enclosed certified copy(ies) of the respective foreign application(s) listed below for which benefit under 35 U.S.C. 119/365 has been previously claimed in the subject application and if not is hereby claimed.

<u>Application No.</u>	<u>Country of Origin</u>	<u>Filed</u>
100 44 755.4	GERMANY	9/9/2000
101 12 105.9	GERMANY	3/14/2001

Respectfully submitted,

Pillsbury Winthrop LLP
Intellectual Property Group

1600 Tysons Boulevard
McLean, VA 22102
Tel: (703) 905-2000

By Atty: Michael A. SanzoReg. No. 36912Sig: Michael A. Sanzo

Fax: (703) 905-2500
Tel: (703) 905-2173

Atty/Sec: MAS/AMX

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen: 100 44 755.4

Anmeldetag: 9. September 2000

Anmelder/Inhaber: Degussa AG, Düsseldorf/DE;
(vormals: Degussa-Hüls AG, Frankfurt am Main/DE)

Bezeichnung: Neue für das luxS-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

IPC: C 12 N, C 12 Q, C 07 H

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ursprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 2. August 2001
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Dzierzon

Neue für das luxS-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das luxS-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren unter Verwendung von Bakterien, in denen das luxS-Gen abgeschwächt wird.

Stand der Technik

L-Aminosäuren, insbesondere Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, daß Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere *Corynebacterium glutamicum*, hergestellt werden. Wegen der großen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Maßnahmen wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch zum Beispiel Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und die Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-

Aminosäure produzierenden Stämmen von Corynebacterium eingesetzt, indem man einzelne Aminosäure-Biosynthesegene amplifiziert und die Auswirkung auf die Aminosäure-Produktion untersucht.

5 Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Maßnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

- 10 Werden im folgenden L-Aminosäuren oder Aminosäuren erwähnt, sind damit eine oder mehrere Aminosäuren einschließlich ihrer Salze, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin gemeint. Besonders bevorzugt ist Lysin.

Wenn im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt werden, sind damit nicht nur die Basen, sondern auch die Salze wie z.B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

- 20 Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das luxS-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 25 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No.
- 30 2,

- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität der Histidin Kinase LuxS aufweist.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das oben genannte Polynukleotid, wobei es sich bevorzugt um eine replizierbare DNA handelt, enthaltend:

- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No.1, oder
- (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder
- (iii) mindestens eine Sequenz, die mit den zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisiert, und gegebenenfalls
- (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind:

ein replizierbares Polynukleotid, insbesondere DNA, enthaltend die Nukleotidsequenz, wie in SEQ ID No.1 dargestellt;

ein Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält;

ein Vektor, enthaltend Teile des erfindungsgemäßen Polynukleotids, mindestens aber 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der beanspruchten Sequenz,

und coryneforme Bakterien, in denen das luxS-Gen, insbesondere durch eine Insertion oder Deletion, abgeschwächt ist.

5 Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank eines coryneformen Bakteriums, die das vollständige Gen oder Teile davon enthält, mit einer Sonde, die die Sequenz des erfindungsgemäßen
10 Polynukleotids gemäß SEQ ID No.1 oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten Polynukleotidsequenz.

Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind als Hybridisierungssonden für RNA, cDNA und DNA geeignet, um Nukleinsäuren beziehungsweise
15 Polynukleotide oder Gene in voller Länge zu isolieren, die für die Histidin Kinase LuxS kodieren, oder um solche Nukleinsäuren beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des luxS-Gens aufweisen.

20 Polynukleotide, die die Sequenzen gemäß der Erfindung enthalten, sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für die Histidin Kinase LuxS kodieren.

25 Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.

30 „Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

„Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es

sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte RNA oder DNA handeln kann.

Die Polynukleotide gemäß Erfindung schließen ein Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder ein daraus
5 hergestelltes Fragment und auch solche ein, die zu wenigstens 70%, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders zu wenigstens 90% bis 95% identisch sind mit dem Polynukleotid gemäß SEQ ID No. 1 oder eines daraus hergestellten Fragments.

10 Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

Die Polypeptide gemäß Erfindung schließen ein Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der
15 biologischen Aktivität der Histidin Kinase LuxS und auch solche ein, die zu wenigstens 70%, bevorzugt zu wenigstens 80% und besonders zu wenigstens 90% bis 95% identisch sind mit dem Polypeptid gemäß SEQ ID No. 2 und die genannte Aktivität aufweisen.

20 Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin,
25 L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits Aminosäuren produzieren und in denen die für das luxS-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet oder auf niedrigem Niveau exprimiert werden.

30 Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die

entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Gen oder
5 Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Maßnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können Aminosäuren aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder
10 aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung *Corynebacterium* handeln. Bei der Gattung *Corynebacterium* ist insbesondere die Art *Corynebacterium glutamicum* zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist,
15 L-Aminosäuren zu produzieren.

Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum* (*C. glutamicum*), sind besonders die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
20 *Corynebacterium acetoglutamicum* ATCC15806
Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
Corynebacterium melassecola ATCC17965
Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
Brevibacterium flavum ATCC14067
25 *Brevibacterium lactofermentum* ATCC13869 und
Brevibacterium divaricatum ATCC14020

und daraus hergestellte L-Aminosäuren produzierende Mutanten beziehungsweise Stämme.

Das neue, für die Histidin Kinase LuxS kodierende luxS-Gen
30 von *C. glutamicum* wurde isoliert. Die Histidin Kinase LuxS ist Teil eines Zwei-Komponenten-Systems. Zwei-Komponenten-Regulationssysteme zeichnen sich dadurch aus, dass

verschiedene Response-Regulator-Proteine durch Sensor-Kinasen aktiviert werden können.

- Zur Isolierung des luxS-Gens oder auch anderer Gene von *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *Escherichia coli* (*E. coli*) angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.: Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des *E. coli* K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde. Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im *E. coli* K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde.

Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326 (1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von *C. glutamicum* ATCC13032 unter Verwendung des Cosmides pH79 (Hohn und Collins, 1980, Gene 11, 291-298).

- Zur Herstellung einer Genbank von *C. glutamicum* in *E. coli* können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, 1979, Life Sciences, 25, 807-818) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche *E. coli*-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind wie beispielsweise der Stamm DH5 α mc^r, der von Grant et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 87 (1990) 4645-4649) beschrieben wurde. Die mit Hilfe von Cosmiden oder anderen λ -Vektoren klonierten langen DNA-Fragmente können anschließend wiederum in gängige für die DNA-Sequenzierung geeignete

Vektoren subkloniert und anschließend sequenziert werden, so wie es z. B. bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 74:5463-5467, 1977) beschrieben ist.

- 5 Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z.B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232(1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical
10 Analysis 39, 74-97 (1998)) untersucht werden.

- Die neue für das luxS-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* wurde gefunden, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen
15 Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des luxS-Genproduktes dargestellt.

- Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Kodes ergeben, sind
20 ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von
25 Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d.h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, daß Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins
30 dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences
35 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology

6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID No. 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

- 5 In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren Bestandteil der Erfindung. Schließlich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich
10 aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

- Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter
15 Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology 41: 255-260 (1991)). Die Hybridisierung findet unter stringenten Bedingungen statt, das heisst, es werden nur Hybride
20 gebildet, bei denen Sonde und Zielsequenz, d. h. die mit der Sonde behandelten Polynukleotide, mindestens 70% identisch sind. Es ist bekannt, dass die Stringenz der Hybridisierung einschließlich der Waschschriffe durch Variieren der Pufferzusammensetzung, der Temperatur und der
25 Salzkonzentration beeinflusst bzw. bestimmt wird. Die Hybridisierungsreaktion wird vorzugsweise bei relativ niedriger Stringenz im Vergleich zu den Waschschriffen durchgeführt (Hybaid Hybridisation Guide, Hybaid Limited, Teddington, UK, 1996).

- 30 Für die Hybridisierungsreaktion kann beispielsweise ein 5x SSC-Puffer bei einer Temperatur von ca. 50 - 68°C eingesetzt werden. Dabei können Sonden auch mit Polynukleotiden hybridisieren, die weniger als 70% Identität zur Sequenz der Sonde aufweisen. Solche Hybride

sind weniger stabil und werden durch Waschen unter stringenten Bedingungen entfernt. Dies kann beispielsweise durch Senken der Salzkonzentration auf 2x SSC und gegebenenfalls nachfolgend 0,5x SSC (The DIG System User's Guide for Filter Hybridisation, Boehringer Mannheim, Mannheim, Deutschland, 1995) erreicht werden, wobei eine Temperatur von ca. 50 - 68°C eingestellt wird. Es ist gegebenenfalls möglich die Salzkonzentration bis auf 0,1x SSC zu senken. Durch schrittweise Erhöhung der Hybridisierungstemperatur in Schritten von ca. 1 - 2°C von 50 auf 68°C können Polynukleotidfragmente isoliert werden, die beispielsweise mindestens 70% oder mindestens 80% oder mindestens 90% bis 95% Identität zur Sequenz der eingesetzten Sonde besitzen. Weitere Anleitungen zur Hybridisierung sind in Form sogenannter Kits am Markt erhältlich (z.B. DIG Easy Hyb von der Firma Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Catalog No. 1603558).

Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide synthesis: A Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Es wurde gefunden, daß coryneforme Bakterien nach Abschwächung des luxS-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren produzieren.

Zur Erzielung einer Abschwächung können entweder die Expression des luxS-Gens oder die regulatorischen beziehungsweise katalytischen Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt oder ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Maßnahmen kombiniert werden.

Die Verringerung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung oder durch genetische Veränderung (Mutation)

der Signalstrukturen der Genexpression erfolgen.

Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise

Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren,

Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und

5 Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann z.B. in

der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Boyd und Murphy

(Journal of Bacteriology 170: 5949 (1988)), bei Voskuil und

Chambliss (Nucleic Acids Research 26: 3548 (1998)), bei

Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191

10 (1998)), bei Pátek et al. (Microbiology 142: 1297 (1996)),

Vasicova et al. (Journal of Bacteriology 181: 6188 (1999))

und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und

Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers

(„Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag,

15 Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winnacker („Gene

und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland,

1990).

Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der

katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen, sind

20 aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiele seien die

Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological

Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Sugimoto et al.

(Bioscience Biotechnology and Biochemistry 61: 1760-1762

(1997)) und Möckel („Die Threonindehydratase aus

25 Corynebacterium glutamicum: Aufhebung der allosterischen

Regulation und Struktur des Enzyms“, Berichte des

Forschungszentrums Jülichs, Jül-2906, ISSN09442952, Jülich,

Deutschland, 1994) genannt. Zusammenfassende Darstellungen

können bekannten Lehrbüchern der Genetik und

30 Molekularbiologie wie z.B. dem von Hagemann („Allgemeine

Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen

werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen,

Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von

35 der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die

Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen („missense mutations“) oder Nichtsinnmutationen („nonsense mutations“) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar (bp) in einem Gen führen zu

5 Rasterverschiebungsmutationen („frame shift mutations“), in deren Folge falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung

10 derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und

15 Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland, 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Eine gebräuchliche Methode, Gene von *C. glutamicum* zu mutieren, ist die von Schwarzer und Pühler (Bio/Technology

20 9, 84-87 (1991)) beschriebene Methode der Gen-Unterbrechung („gene disruption“) und des Gen-Austauschs („gene replacement“).

Bei der Methode der Gen-Unterbrechung wird ein zentraler Teil der Kodierregion des interessierenden Gens in einen

25 Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise *E. coli*), nicht aber in *C. glutamicum* replizieren kann. Als Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al., Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob (Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pK18mobsacB oder

30 pK19mobsacB (Jäger et al., Journal of Bacteriology 174: 5462-65 (1992)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI, USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of Biological Chemistry 269:32678-84; US-Patent 5,487,993), pCR®Blunt (Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al.,

35 Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) oder

pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology 173:4510-4516) in Frage. Der Plasmidvektor, der das zentrale Teil der Kodierregion des Gens enthält, wird anschließend durch Konjugation oder Transformation in den gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Die Methode der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al. (Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivnan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross-over"-Ereignisses wird die Kodierregion des betreffenden Gens durch die Vektorsequenz unterbrochen und man erhält zwei unvollständige Allele, denen jeweils das 3'- bzw. das 5'-Ende fehlt. Diese Methode wurde beispielsweise von Fitzpatrick et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 42, 575-580 (1994)) zur Ausschaltung des *recA*-Gens von *C. glutamicum* verwendet.

Bei der Methode des Genaustausches („gene replacement“) wird eine Mutation wie z.B. eine Deletion, Insertion oder Basenaustausch in dem interessierenden Gen in-vitro hergestellt. Das hergestellte Allel wird wiederum in einen für *C. glutamicum* nicht replikativen Vektor kloniert und dieser anschließend durch Transformation oder Konjugation in den gewünschten Wirt von *C. glutamicum* überführt. Nach homologer Rekombination mittels eines ersten, Integration bewirkenden "cross-over"-Ereignisses und eines geeigneten zweiten, eine Exzision bewirkenden "cross-over"-Ereignisses im Zielgen bzw. in der Zielsequenz erreicht man den Einbau der Mutation bzw. des Allels. Diese Methode wurde beispielsweise von Peters-Wendisch et al. (Microbiology 144, 915 - 927 (1998)) verwendet, um das *pyc*-Gen von *C. glutamicum* durch eine Deletion auszuschalten.

In das luxS-Gen kann auf diese Weise eine Deletion, Insertion oder ein Basenaustausch eingebaut werden.

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des luxS-Gens
5 eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der Anaplerotik, des Zitronensäure-Zyklus, des Pentosephosphat-Zyklus, des Aminosäure-Exports und gegebenenfalls regulatorische Proteine zu verstärken, insbesondere überzuexprimieren.

10 So kann für die Herstellung von L-Aminosäuren neben der Abschwächung des luxS-Gens gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende Gen dapA (EP-B 0 197 335),
- 15 • das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen gap (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174: 6076-6086),
- das für die Triosephosphat Isomerase kodierende Gen tpi (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- 20 • das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende Gen pgk (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf (JP-A-09224661),
- das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (DE-A-
25 198 31 609),
- das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase kodierende Gen mqo (Molenaar et al., European Journal of Biochemistry 254, 395-403 (1998),
- das für eine feed-back resistente Aspartatkinase
30 kodierende Gen lysC (Accession No.P26512),

- das für den Lysin-Export kodierende Gen *lysE* (DE-A-195 48 222)
- das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende Gen *hom* (EP-A 0131171),
- 5 • das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen *ilvA* (Möckel et al., Journal of Bacteriology (1992) 8065-8072)) oder das für eine "feed back resistente" Threonin-Dehydratase kodierende Allel *ilvA(Fbr)* (Möckel et al., (1994) Molecular Microbiology 13: 833-842),
- 10 • das für die Acetohydroxysäure-Synthase kodierenden Gen *ilvBN* (EP-B 0356739),
- das für die Dihydroxysäuredehydratase kodierende Gen *ilvD* (Sahm und Eggeling (1999) Applied and Environmental Microbiology 65: 1973-1979),
- 15 • das für das Zwa1-Protein kodierende Gen *zwa1* (DE: 19959328.0, DSM 13115)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des *luxS*-Gens
20 gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen *pck* (DE 199 50 409.1, DSM 13047),
- das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende Gen
25 *pgi* (US 09/396,478, DSM 12969),
- das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen *poxB* (DE:1995 1975.7, DSM 13114),

- das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 (DE: 19959327.2, DSM 13113)

abzuschwächen, insbesondere die Expression zu verringern.

- Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des luxS-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: „Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms“, in: Overproduction of Microbial Products, Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).
- 10 Die erfindungsgemäß hergestellten Mikroorganismen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung und können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren)
- 15 zum Zwecke der Produktion von L-Aminosäuren kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 20 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.

- Das zu verwendende Kulturmedium muß in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen
- 25 von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology“, der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten.

- Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie
- 30 z.B. Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette, wie zum Beispiel Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnußöl und Kokosfett, Fettsäuren, wie zum Beispiel Palmitinsäure, Stearinsäure

und Linolsäure, Alkohole wie zum Beispiel Glycerin und Ethanol und organische Säuren, wie zum Beispiel Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

- 5 Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff-haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt, Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und
- 10 Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

- Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.
- 15 Das Kulturmedium muß weiterhin Salze von Metallen enthalten, wie zum Beispiel Magnesiumsulfat oder Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schließlich können essentielle Wuchsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen
- 20 eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

- 25 Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak beziehungsweise Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können
- 30 Antischaummittel, wie zum Beispiel Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie zum Beispiel Antibiotika hinzugefügt werden. Um
- 35 aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff-haltige Gasmischungen, wie zum Beispiel

Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat.

- 5 Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Methoden zur Bestimmung von L-Aminosäuren sind aus dem Stand der Technik bekannt. Die Analyse kann zum Beispiel so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben durch Anionenaustausch-Chromatographie mit anschließender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

- 15 Das erfindungsgemäße Verfahren dient zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren.

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus Escherichia coli sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al. (Molecular Cloning. A Laboratory Manual, 1989, Cold Spring Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA) durchgeführt. Methoden zur Transformation von Escherichia coli sind ebenfalls in diesem Handbuch beschrieben.

Die Zusammensetzung gängiger Nährmedien wie LB- oder TY-Medium kann ebenfalls dem Handbuch von Sambrook et al. entnommen werden.

Beispiel 1

- 30 Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus C. glutamicum ATCC 13032

Chromosomale DNA aus *C. glutamicum* ATCC 13032 wurde wie bei Tauch et al., (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben, isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250) dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1 (Wahl et al. (1987), Proceedings of the National Academy of Sciences, USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1 Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02) gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase dephosphoryliert.

Anschließend wurde die Cosmid-DNA mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde anschließend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts (Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt.

Zur Infektion des *E. coli* Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Res. 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar

(Lennox, 1955, Virology, 1:190) + 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

Beispiel 2

5 Isolierung und Sequenzierung des Gens luxS

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach
15 gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Größenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany).

Die DNA des Sequenziervektors pZero-1 bezogen von der Firma
20 Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente
25 in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das DNA-Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses
30 Ligationsgemisch wurde anschließend in den E. coli Stamm DH5αMCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol. Letters, 123:343-7) und auf LB-

Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 mg/l Zeocin ausplattiert.

Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden, Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academies of Sciences, U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschließend unter Anwendung des Staden-Programmpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt. Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25:33893402) gegen die non-redundant Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 1272 bp, welches als luxS-Gen bezeichnet wurde. Das luxS-Gen kodiert für ein Polypeptid von 423 Aminosäuren.

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa-Hüls AG

5 <120> Neue für das luxS-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

<130> 000457 BT

<140>

10 <141>

<160> 2

<170> PatentIn Ver. 2.1

15

<210> 1

<211> 1902

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>

<221> CDS

<222> (342)..(1610)

<223> luxS-Gen

25

<400> 1

ggtaggagta aaaaacgcag gagggcgctcg aaaagcgctc gtctgtgccg taaccctga 60

cgcgctggcc gttggtatcg gcgacccagt cggtgcccag gtaggggcat gcggtttgtg 120

30

cggtgcgttc gaccgcgggc atcgcgctga tgggaaggcc gtcagtaatt acttccgggg 180

ctgcctcggg ggtggtctct ggggttgctt caggttccgc cggggtacaa gcggtgagca 240

35

tgatggaagc agcgaggata gtaggtaatg tacgacgcat gcagtcaagc ctagatcgtg 300

tgtcggaaac cggacgcaat gagctcgatg ttgaaaccct t gtg aag aag ggg aat 356

Met Lys Lys Gly Asn
1 5

40

caa ccg ggc gcg atg agc tat cgc aac agt atc cac att ttg aca gcc 404

Gln Pro Gly Ala Met Ser Tyr Arg Asn Ser Ile His Ile Leu Thr Ala
10 15 20

45

tcg ctg ctg gtc gtg ggg ttg gga gct tcc gcc cgc ctg acg ctg ccg 452

Ser Leu Leu Val Val Gly Leu Gly Ala Ser Ala Arg Leu Thr Leu Pro
25 30 35

50

atg ttt gcg ctg tcg tgc gtg ctg ttg ttt gtg tgg ggt ttt ctg tac 500

Met Phe Ala Leu Ser Cys Val Leu Leu Phe Val Trp Gly Phe Leu Tyr
40 45 50

55

ttc tat gga tca acc aaa cgc gta gat ttg agc cac ggc atg cag ctg 548

Phe Tyr Gly Ser Thr Lys Arg Val Asp Leu Ser His Gly Met Gln Leu
55 60 65

ggc tgg ctg ttt gtg ctg acg ctg gtg tgg att ttt atg gtg ccg atc 596

Gly Trp Leu Phe Val Leu Thr Leu Val Trp Ile Phe Met Val Pro Ile
70 75 80 85

	gtg	ccc	gtg	tcc	att	tat	ctg	ctg	ttc	ccg	ctg	ttt	ttc	ctc	tat	cta	644
	Val	Pro	Val	Ser	Ile	Tyr	Leu	Leu	Phe	Pro	Leu	Phe	Phe	Leu	Tyr	Leu	
					90					95					100		
5	cag	gtg	atg	cct	gac	gtg	aga	ggc	att	att	gcg	att	ttg	ggt	gcg	aca	692
	Gln	Val	Met	Pro	Asp	Val	Arg	Gly	Ile	Ile	Ala	Ile	Leu	Gly	Ala	Thr	
				105					110					115			
10	gcg	att	gcg	att	gcc	agc	cag	tat	tcc	gtg	ggg	ttg	acc	ttt	ggt	ggt	740
	Ala	Ile	Ala	Ile	Ala	Ser	Gln	Tyr	Ser	Val	Gly	Leu	Thr	Phe	Gly	Gly	
			120					125					130				
15	gtg	atg	ggt	ccg	gtg	gtc	tct	gcg	atc	gtg	acc	gtg	gct	att	gat	tac	788
	Val	Met	Gly	Pro	Val	Val	Ser	Ala	Ile	Val	Thr	Val	Ala	Ile	Asp	Tyr	
		135					140					145					
20	gcg	ttc	cgc	acg	ttg	tgg	cgg	gtg	aat	aat	gaa	aag	cag	gaa	ttg	att	836
	Ala	Phe	Arg	Thr	Leu	Trp	Arg	Val	Asn	Asn	Glu	Lys	Gln	Glu	Leu	Ile	
	150				155						160					165	
25	gat	cag	ttg	att	gaa	act	cgc	tcc	cag	ctg	gcg	gtg	acg	gaa	cga	aat	884
	Asp	Gln	Leu	Ile	Glu	Thr	Arg	Ser	Gln	Leu	Ala	Val	Thr	Glu	Arg	Asn	
					170					175					180		
30	gcg	ggt	att	gct	gcg	gaa	cgt	caa	cgt	att	gcg	cat	gaa	att	cat	gac	932
	Ala	Gly	Ile	Ala	Ala	Glu	Arg	Gln	Arg	Ile	Ala	His	Glu	Ile	His	Asp	
				185				190						195			
35	acg	gtc	gcc	cag	gga	ctc	tcc	tcc	att	caa	atg	ctg	ctg	cat	gtc	tct	980
	Thr	Val	Ala	Gln	Gly	Leu	Ser	Ser	Ile	Gln	Met	Leu	Leu	His	Val	Ser	
			200					205					210				
40	gaa	cag	gag	att	ctc	ggt	gct	gag	atg	gaa	gag	aag	cca	aag	gag	gcg	1028
	Glu	Gln	Glu	Ile	Leu	Val	Ala	Glu	Met	Glu	Glu	Lys	Pro	Lys	Glu	Ala	
		215					220					225					
45	atc	gtg	aag	aag	atg	cgc	ctt	gcc	cga	caa	aca	gcc	tcc	gac	aat	ctc	1076
	Ile	Val	Lys	Lys	Met	Arg	Leu	Ala	Arg	Gln	Thr	Ala	Ser	Asp	Asn	Leu	
	230					235					240					245	
50	agt	gag	gct	cgc	gcg	atg	att	gcg	gcg	ttg	caa	ccg	gca	gcg	ctg	tct	1124
	Ser	Glu	Ala	Arg	Ala	Met	Ile	Ala	Ala	Leu	Gln	Pro	Ala	Ala	Leu	Ser	
					250					255					260		
55	aaa	acc	tcc	ttg	gaa	gca	gca	ctt	cac	cgc	gtc	aca	gaa	ccg	ttg	ttg	1172
	Lys	Thr	Ser	Leu	Glu	Ala	Ala	Leu	His	Arg	Val	Thr	Glu	Pro	Leu	Leu	
				265					270					275			
60	ggt	att	aat	ttt	gtg	att	tct	gtc	gac	ggg	gat	ggt	cgc	caa	ctg	ccc	1220
	Gly	Ile	Asn	Phe	Val	Ile	Ser	Val	Asp	Gly	Asp	Val	Arg	Gln	Leu	Pro	
			280					285					290				
65	atg	aaa	act	gaa	gcc	acc	ctt	ctg	cga	att	gct	caa	ggt	gcg	atc	gga	1268
	Met	Lys	Thr	Glu	Ala	Thr	Leu	Leu	Arg	Ile	Ala	Gln	Gly	Ala	Ile	Gly	
		295					300					305					
70	aat	gtg	gcg	aaa	cat	tca	gag	gcg	aaa	aac	tgc	cac	gtg	aca	cta	acc	1316
	Asn	Val	Ala	Lys	His	Ser	Glu	Ala	Lys	Asn	Cys	His	Val	Thr	Leu	Thr	
	310					315					320					325	

tac gaa gac aca gaa gta cgc ctt gat gtg gtt gat gac ggt gtg ggt 1364
 Tyr Glu Asp Thr Glu Val Arg Leu Asp Val Val Asp Asp Gly Val Gly
 330 335 340

5

ttt gag cct tcg gaa gtg tcc agt acc ccc gct ggc ctt ggc cat atc 1412
 Phe Glu Pro Ser Glu Val Ser Ser Thr Pro Ala Gly Leu Gly His Ile
 345 350 355

10

ggc tta acc gca ttg cag cag cgt gcg atg gaa ttg cac ggc gaa gtt 1460
 Gly Leu Thr Ala Leu Gln Gln Arg Ala Met Glu Leu His Gly Glu Val
 360 365 370

15

ata gtg gaa tct gca tat ggg cag ggt act gcg gta tct gca gca ttg 1508
 Ile Val Glu Ser Ala Tyr Gly Gln Gly Thr Ala Val Ser Ala Ala Leu
 375 380 385

20

ccg gtg gag cca cca gag ggg ttt gtc ggg gcg ccg gtt ttg gca gat 1556
 Pro Val Glu Pro Pro Glu Gly Phe Val Gly Ala Pro Val Leu Ala Asp
 390 395 400 405

25

tcg gac tca agt gct aca ggc gag gtt gaa cta agt tct cca act gac 1604
 Ser Asp Ser Ser Ala Thr Gly Glu Val Glu Leu Ser Ser Pro Thr Asp
 410 415 420

30

gat gag taaggctaga ctaaagtacg attcatctgc tcatcgatac tcttgaaggc 1660
 Asp Glu

gcattttcat tcgaaacgaa gtgcgccatt gggaaggacc tagttcaaac aatgattcgc 1720
 gtgctgcttg ctgatgacca cgaaatcgtg aggctcggac tccgagctgt gctggaaagc 1780
 gccgaggaca ttgaagtggg gggcgaagtc tccaccgccg aaggtgcggt gcaggcagcc 1840

35

caagaaggcg gaatcgacgt catcttgatg gacctccgat tcggccccgg cgtccaagga 1900
 ac 1902

40

<210> 2
 <211> 423
 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

45

<400> 2
 Met Lys Lys Gly Asn Gln Pro Gly Ala Met Ser Tyr Arg Asn Ser Ile
 1 5 10 15

50

His Ile Leu Thr Ala Ser Leu Leu Val Val Gly Leu Gly Ala Ser Ala
 20 25 30

Arg Leu Thr Leu Pro Met Phe Ala Leu Ser Cys Val Leu Leu Phe Val
 35 40 45

55

Trp Gly Phe Leu Tyr Phe Tyr Gly Ser Thr Lys Arg Val Asp Leu Ser
 50 55 60

His Gly Met Gln Leu Gly Trp Leu Phe Val Leu Thr Leu Val Trp Ile
 65 70 75 80

Phe Met Val Pro Ile Val Pro Val Ser Ile Tyr Leu Leu Phe Pro Leu
 85 90 95

5 Phe Phe Leu Tyr Leu Gln Val Met Pro Asp Val Arg Gly Ile Ile Ala
 100 105 110

Ile Leu Gly Ala Thr Ala Ile Ala Ile Ala Ser Gln Tyr Ser Val Gly
 115 120 125

10 Leu Thr Phe Gly Gly Val Met Gly Pro Val Val Ser Ala Ile Val Thr
 130 135 140

Val Ala Ile Asp Tyr Ala Phe Arg Thr Leu Trp Arg Val Asn Asn Glu
 15 145 150 155 160

Lys Gln Glu Leu Ile Asp Gln Leu Ile Glu Thr Arg Ser Gln Leu Ala
 165 170 175

20 Val Thr Glu Arg Asn Ala Gly Ile Ala Ala Glu Arg Gln Arg Ile Ala
 180 185 190

His Glu Ile His Asp Thr Val Ala Gln Gly Leu Ser Ser Ile Gln Met
 195 200 205

25 Leu Leu His Val Ser Glu Gln Glu Ile Leu Val Ala Glu Met Glu Glu
 210 215 220

Lys Pro Lys Glu Ala Ile Val Lys Lys Met Arg Leu Ala Arg Gln Thr
 30 225 230 235 240

Ala Ser Asp Asn Leu Ser Glu Ala Arg Ala Met Ile Ala Ala Leu Gln
 245 250 255

35 Pro Ala Ala Leu Ser Lys Thr Ser Leu Glu Ala Ala Leu His Arg Val
 260 265 270

Thr Glu Pro Leu Leu Gly Ile Asn Phe Val Ile Ser Val Asp Gly Asp
 275 280 285

40 Val Arg Gln Leu Pro Met Lys Thr Glu Ala Thr Leu Leu Arg Ile Ala
 290 295 300

Gln Gly Ala Ile Gly Asn Val Ala Lys His Ser Glu Ala Lys Asn Cys
 45 305 310 315 320

His Val Thr Leu Thr Tyr Glu Asp Thr Glu Val Arg Leu Asp Val Val
 325 330 335

50 Asp Asp Gly Val Gly Phe Glu Pro Ser Glu Val Ser Ser Thr Pro Ala
 340 345 350

Gly Leu Gly His Ile Gly Leu Thr Ala Leu Gln Gln Arg Ala Met Glu
 355 360 365

55 Leu His Gly Glu Val Ile Val Glu Ser Ala Tyr Gly Gln Gly Thr Ala
 370 375 380

Val Ser Ala Ala Leu Pro Val Glu Pro Pro Glu Gly Phe Val Gly Ala
385 390 395 400

5 Pro Val Leu Ala Asp Ser Asp Ser Ser Ala Thr Gly Glu Val Glu Leu
405 410 415

Ser Ser Pro Thr Asp Asp Glu
420

10

15

Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien,
enthaltend eine für das luxS-Gen kodierende
5 Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist
mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid
kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2
enthält,
 - 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das
eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70%
identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID
No. 2,
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den
15 Polynukleotiden von a) oder b), und
 - d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15
aufeinanderfolgende Nukleotide der
Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),
- wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität der Histidin
20 Kinase LuxS aufweist.
2. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid
eine in coryneformen Bakterien replizierbare, bevorzugt
rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotid gemäß Anspruch 1, wobei das Polynukleotid
25 eine RNA ist.
4. Polynukleotid gemäß Anspruch 2, enthaltend die
Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.
5. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, enthaltend
(i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No. 1, oder

(ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz
(i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des
genetischen Kodes entspricht, oder

5 (iii) mindestens eine Sequenz, die mit der zur Sequenz
(i) oder (ii) komplementären Sequenz hybridisiert,
und gegebenenfalls

(iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i).

10 6. Replizierbare DNA gemäß Anspruch 2, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß die Hybridisierung
unter einer Stringenz entsprechend höchstens 2x SSC
durchgeführt wird.

7. Polynukleotidsequenz gemäß Anspruch 1, die für ein
Polypeptid kodiert, das die in SEQ ID No. 2
dargestellte Aminosäuresequenz enthält.

15 8. Coryneforme Bakterien, in denen das luxS-Gen
abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet wird.

9. Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-
Aminosäuren, insbesondere Lysin,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
20 daß man folgende Schritte durchführt:

a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure
produzierenden coryneformen Bakterien, in denen man
zumindest das luxS-Gen oder dafür kodierende
Nukleotidsequenzen abschwächt, insbesondere
25 ausschaltet;

b) Anreicherung der L-Aminosäure im Medium
oder in den Zellen der Bakterien, und

c) Isolieren der L-Aminosäure.

10. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
30 g e k e n n z e i c h n e t, daß man Bakterien

einsetzt, in denen man zusätzlich weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten L-Aminosäure verstärkt.

- 5 11. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man Bakterien
einsetzt, in denen die Stoffwechselwege zumindest
teilweise ausgeschaltet sind, die die Bildung der
gewünschten L-Aminosäure verringern.
- 10 12. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man die Expression des
(der) Polynukleotides (e), das (die) für das luxS-Gen
kodiert (kodieren) abschwächt, insbesondere
ausschaltet.
- 15 13. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man die
regulatorischen beziehungsweise katalytischen
Eigenschaften des Polypeptids (Enzymprotein) verringert,
für das das Polynukleotid luxS kodiert.
- 20 14. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man zur Herstellung
von L-Aminosäuren coryneforme Mikroorganismen
fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe
- 25 14.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase
kodierende Gen dapA,
- 14.2 das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat
Dehydrogenase kodierende Gen gap,
- 14.3 das für die Triosephosphat Isomerase kodierende
Gen tpi,
- 30 14.4 das für die 3-Phosphoglycerat Kinase kodierende
Gen pgk,

- 14.5 das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase
kodierende Gen zwf,
- 14.6 das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen
pyc,
- 5 14.7 das für die Malat-Chinon-Oxidoreduktase
kodierende Gen mqo,
- 14.8 das für eine feed-back resistente
Aspartatkinase kodierende Gen lysC,
- 14.9 das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE,
- 10 14.10 das für die Homoserin-Dehydrogenase kodierende
Gen hom,
- 14.11 das für die Threonin-Dehydratase kodierende Gen
ilvA oder das für eine feed back resistente
Threonin-Dehydratase kodierende Allel
15 ilvA(Fbr),
- 14.12 das für die Acetohydroxysäure-Synthase
kodierende Gen ilvBN,
- 14.13 das für die Dihydroxysäuredehydratase
kodierende Gen ilvD,
- 20 14.14 das für das Zwa1-Protein kodierende Gen zwa1

verstärkt bzw. überexprimiert.

15. Verfahren gemäß Anspruch 9, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man zur Herstellung
25 von L-Aminosäuren coryneforme Mikroorganismen
fermentiert, in denen man gleichzeitig eines oder
mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- 15.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase
kodierende Gen pck,

15.2 das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase
kodierende Gen *pgi*,

15.3 das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen *poxB*

15.4 das für das Zwa2-Protein kodierende Gen *zwa2*

5 abschwächt.

16. Coryneforme Bakterien, die einen Vektor enthalten, der
Teile des Polynukleotids, mindestens aber 15
aufeinanderfolgende Nukleotide der Sequenz gemäß
Anspruch 1, trägt.

10 17. Verfahren gemäß einem oder mehreren der vorhergehenden
Ansprüche, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man Mikroorganismen
der Art *Corynebacterium glutamicum* einsetzt.

15 18. Verfahren zum Auffinden von RNA, cDNA und DNA, um
Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene
zu isolieren, die für die Histidin Kinase *LuxS* kodieren
oder eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des *luxS*-
Gens aufweisen, d a d u r c h
g e k e n n z e i c h n e t, daß man das Polynukleotid,
20 enthaltend die Polynukleotidsequenzen gemäß den
Ansprüchen 1, 2, 3 oder 4 als Hybridisierungssonden
einsetzt.

Zusammenfassung

Die Erfindung betrifft ein isoliertes Polynukleotid enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70% identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70% identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

20 und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen zumindest das luxS-Gen abgeschwächt vorliegt, und die Verwendung von Polynukleotiden, die die erfindungsgemäßen Sequenzen enthalten, als Hybridisierungssonden.